

## DECRYPTAGE DES MECANISMES BIOLOGIQUES IMPLIQUES DANS LE BIOCONTROLE DES CHAMPIGNONS MYCOTOXINOGENES DES CEREALES

PELLAN Lucile (1), Caroline STRUB (1), Noël DURAND (2), Angélique FONTANA (1), Sabine SCHORR-GALINDO (1)

(1) UMR Qualisud (Université Montpellier), Place Eugene Bataillon, 34095 Montpellier Cedex 5, France

(2) UMR Qualisud (Cirad), 73 Rue Jean-François Breton, 34398 Montpellier Cedex 5, France

Les mycotoxines sont des métabolites secondaires toxiques synthétisés par des moisissures qui contaminent de nombreuses denrées d'origine végétale, notamment les céréales qui sont le premier facteur d'exposition des consommateurs à ces molécules présentant un réel risque pour la santé humaine et animale. En particulier, les espèces *Fusarium graminearum* et *Fusarium verticillioides* sont responsables de la production de mycotoxines de type trichothécènes et fumonisines respectivement, et leurs incidences sur les productions de blé et de maïs en pré- et post-récolte sont bien connus. Pour lutter contre ces champignons, une stratégie alternative aux produits phytosanitaires est l'utilisation de microorganismes antagonistes qui par différents mécanismes vont réduire la progression de ces champignons et limiter l'accumulation de mycotoxines.

Cependant, la mise en place de telles méthodes de protection nécessite une bonne connaissance des mécanismes biologiques qui régissent l'interaction entre les moisissures mycotoxinogènes et les agents de biocontrôle (BCA), afin de favoriser les phénomènes d'antagonismes mais aussi pour faciliter la sélection de nouveaux candidats de biocontrôle en fonction des processus les plus prometteurs. La finalité de cette étude est donc d'utiliser les technologies méta-omiques, notamment la transcriptomique et la métabolomique afin de : (i) décrypter les mécanismes impliqués dans le biocontrôle des moisissures toxigènes pour comprendre comment les BCA potentiels interviennent, (ii) identifier des biomarqueurs (gène clé ou métabolite) inhibiteurs de la mycotoxinogénèse pour optimiser le screening de BCA, (iii) optimiser leur usage et évaluer les possibilités de régulation des populations microbiennes pour favoriser les phénomènes d'antagonisme par des itinéraires techniques optimisés.

En vue de ces objectifs, des BCA commerciaux et de la collection de l'UMR QualiSud ont été sélectionnés, caractérisés et étudiés en confrontation *in vitro* avec ces pathogènes du genre *Fusarium* et ont permis de proposer une ou plusieurs hypothèses concernant leur mode d'action et sur la manière dont la physiologie des *Fusaria* est impactée. L'étude de la confrontation des couples BCA-pathogène a été complétée sur épillets grâce à une méthode innovante de screening, puis la question de la transposition vers la plante entière sera investiguée. L'analyse du transcriptome et du métabolome des différents systèmes plantes-pathogènes-BCAs permettra d'explorer quels gènes sont différentiellement exprimés en confrontation, quelles voies biologiques sont impliquées lors de cette réponse, et quelles sont les signatures de ces mécanismes antagonistes (signaux VIP issus des méta-omic : gènes ou métabolites). L'identification de ces biomarqueurs servira à faire émerger de nouveaux BCAs antimycotoxinogènes pour de futures études de développement ou autorisations de mise sur le marché (AMM). D'une manière globale, les résultats de cette étude pourront contribuer à limiter l'accumulation des mycotoxines dans les céréales ainsi que les résidus de produits phytosanitaires, ce qui est un double objectif de sécurité sanitaire.